

Esercizio 1

Un ceppo di *Neurospora* (tetradi ordinate) carente di *riboflavina* (*r*) viene incrociato con un ceppo incapace di sintetizzare il *triptofano* (*t*). Si ottengono i risultati riportati sotto.

| A | B | C | D | E | F | G | H | I | J |
|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
| r + | + t | r + | r + | r t | r t | r + | r + | r + | r t |
| r + | r + | + t | + t | r + | r + | r t | r t | + + | + + |
| + t | r + | r + | + t | + + | + t | + + | + t | r t | r + |
| + t | + t | + t | r + | + t | + + | + t | + + | + t | + t |
| 129 | 1 | 2 | 1 | 15 | 13 | 17 | 17 | 2 | 1 |

I due geni sono associati? Si determinino le distanze tra di loro (nel caso in cui siano associati) e le distanze dal centromero. Costruire la mappa dei geni.

Scriviamo l'incrocio parentale:



Si classificano le tetradi in: DP (DITIPO PARENTALE), NDP (DITIPO NON PARENTALE) e T (TETRATIPO):

| GENI | DP | NDP | T |
|-------|---------------------------------------|-----|--|
| r - t | A, B, C, D $129 + 1 + 2 + 1 = 133$ | 0 | E, F, G, H, I, J $15 + 13 + 17 + 17 + 2 + 1 = 65$ |

r-t sono associati perché DP >> NDP TOT spore = 133 + 65 = 198

$$d_{r-t} = \frac{NDP + \frac{1}{2}T}{TOT} \cdot 100 = \frac{0 + \frac{1}{2}(15 + 13 + 17 + 17 + 2 + 1)}{198} \cdot 100 = 16,4 \text{ u.m.}$$

Per determinare le distanze tra gene e centromero si deve vedere se i geni segregano in Meiosi 1 (M1) o in Meiosi 2 (M2).



| A | B | C | D | E | F | G | H | I | J |
|-------------------------------|-------------------------------|-------------------------------|-------------------------------|-------------------------------|-------------------------------|-------------------------------|-------------------------------|-------------------------------|-------------------------------|
| r + | + t | r + | r + | r t | r t | r + | r + | r + | r t |
| r + | r + | + t | + t | r + | r + | r t | r t | + + | + + |
| + t | r + | r + | + t | + + | + t | + + | + t | r t | r + |
| + t | + t | + t | r + | + t | + + | + t | + + | + t | + t |
| M ₁ M ₁ | M ₂ M ₂ | M ₂ M ₂ | M ₂ M ₂ | M ₁ M ₂ | M ₁ M ₂ | M ₁ M ₂ | M ₁ M ₂ | M ₂ M ₁ | M ₂ M ₂ |

$$d_{c-r} = \frac{\frac{1}{2}(\text{numero delle tetradie dove r occupa in M}_2)}{\text{TOT}} \cdot 100 = \frac{\frac{1}{2}(B+C+D+I+J)}{\text{TOT}} \cdot 100 = \frac{\frac{1}{2}(1+2+1+2+1)}{198} \cdot 100 = 1,77 \mu\text{m}$$

$$d_{c-t} = \frac{\frac{1}{2}(B+C+D+E+F+G+H+J)}{\text{TOT}} \cdot 100 = \frac{\frac{1}{2}(1+2+1+15+13+12+17+1)}{198} \cdot 100 = 16,9 \mu\text{m}$$

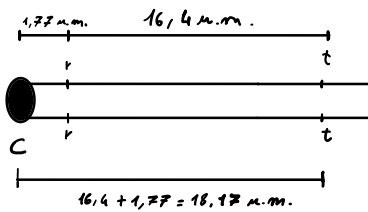
t+r sono della stessa parte?

$$d_{c-r} + d_{c-t} = d_{r-t} = ?$$

$$16,9 \mu\text{m} + 1,77 \mu\text{m} = 18,67 \mu\text{m} \neq 16,4 \mu\text{m}$$

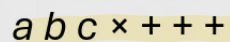
$$16,9 \mu\text{m} - 1,77 \mu\text{m} = 15,13 \mu\text{m}$$

La differenza è quindi simile alla distanza tra i geni di 16,4, rispetto alla somma; quindi i geni sono della stessa parte rispetto al centromero. Per disegnare la mappa si deve coprire la distanza tra il gene più lontano e il centromero.



Esercizio 2.

Gli aschi prodotti dalla meiosi di lievito con tetradi ordinate derivanti dall'incrocio



sono rappresentati nella tabella sotto.

1. Indicare i geni associati, le distanze di mappa tra i geni associati e le distanze con il centromero.

2. Schematizzare gli scambi che hanno dato origine alla tetrate D.

| A | | | B | | | C | | | D | | | E | | | F | | | G | | |
|-----------|---|---|------------|---|---|-----------|---|---|----------|---|---|-----------|---|---|------------|---|---|-----------|---|---|
| a | b | + | a | b | c | a | + | c | a | b | + | a | b | c | a | b | c | a | b | c |
| a | b | + | a | + | + | a | b | c | + | + | c | a | b | + | + | + | c | a | b | c |
| + | + | c | + | + | c | + | + | + | + | b | + | + | + | + | a | b | + | + | + | + |
| + | + | c | + | b | + | + | b | + | a | + | c | + | + | c | + | + | + | + | + | + |
| 61 | | | 140 | | | 17 | | | 7 | | | 35 | | | 300 | | | 60 | | |

1. Indicare i geni associati, le distanze di mappa tra i geni associati e le distanze con il centromero.

Considerando i geni a coppie e tenendo presente l'incrocio parentale trionimo DP, NDP e T.



| GENI | DP | NDP | T |
|------|--|-----------------------|---|
| a-b | A, E, F, G $61 + 35 + 300 + 60 = 456$ | \emptyset | B, C, D, $140 + 17 + 7 = 164$ |
| b-c | G 60 | A, D $61 + 7 = 68$ | B, C, E, F $140 + 17 + 35 + 300 = 492$ |
| a-c | C, G $17 + 60 = 77$ | A 61 | B, D, E, F $140 + 7 + 35 + 300 = 482$ |

a-b \rightarrow DP \gg NDP i geni sono associati

b-c \rightarrow DP \approx NDP i geni non sono associati

a-c \rightarrow DP \approx NDP i geni non sono associati

Determiniamo la distanza tra i geni associati

$$TOT = 61 + 140 + 17 + 7 + 35 + 300 + 60 = 620$$

$$d_{a-b} = \frac{NDP + \frac{1}{2}(T)}{TOT} \cdot 100 = \frac{0 + \frac{1}{2} \cdot 164}{620} \cdot 100 = 13,22 \text{ u.m.}$$

Determiniamo se i 3 geni segregano in M1 o M2.

| | A | | | B | | | C | | | D | | | E | | | F | | | G | | |
|----|----|----|----|----|----|----|----|----|----|----|----|----|----|----|----|----|----|----|----|----|--|
| a | b | + | a | b | c | a | + | c | a | b | + | a | b | c | a | b | c | a | b | c | |
| a | b | + | a | + | + | a | b | c | + | + | c | a | b | + | + | + | c | a | b | c | |
| + | + | c | + | + | c | + | + | + | + | b | + | + | + | + | a | b | + | + | + | + | |
| + | + | c | + | b | + | + | b | + | a | + | c | + | + | c | + | + | + | + | + | + | |
| M1 | M1 | M1 | M1 | M2 | M2 | M1 | M2 | M1 | M2 | M2 | M2 | M1 | M1 | M2 | M2 | M2 | M1 | M1 | M1 | M1 | |

$$d_{c-a} = \frac{\frac{1}{2}(M2a)}{TOT} \cdot 100 = \frac{\frac{1}{2}(7+300)}{620} \cdot 100 = 24,76 \mu.m$$

$$d_{c-b} = \frac{\frac{1}{2}(M2b)}{TOT} \cdot 100 = \frac{\frac{1}{2}(140+17+7+300)}{620} \cdot 100 = 37,42 \mu.m$$

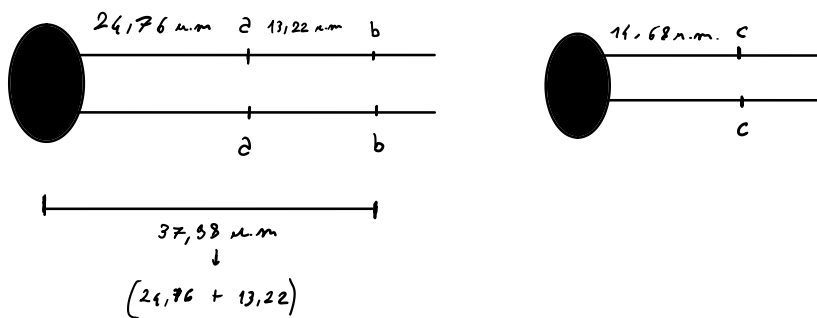
$$d_{c-f} = \frac{\frac{1}{2}(M2f)}{TOT} \cdot 100 = \frac{\frac{1}{2}(140+7+35)}{620} \cdot 100 = 11,68 \mu.m$$

Perché a e b sono associati si trovano sullo stesso cromosoma. Inoltre, poiché la tetrad è ordinata è possibile determinare se a e b sono della stessa parte rispetto al centromero o da parti opposte.

$$d_{c-a} + d_{c-b} = 24,76 \mu.m + 37,42 \mu.m = 62,18 \mu.m \neq \underbrace{13,22 \mu.m}_{d_{g-b}}$$

$$d_{c-b} - d_{c-a} = 37,42 \mu.m - 24,76 \mu.m = 12,66 \mu.m \approx 13,22$$

3 geni sono della stessa parte rispetto al centromero



2. Schematizzare gli scambi che hanno dato origine alla tetraide D.

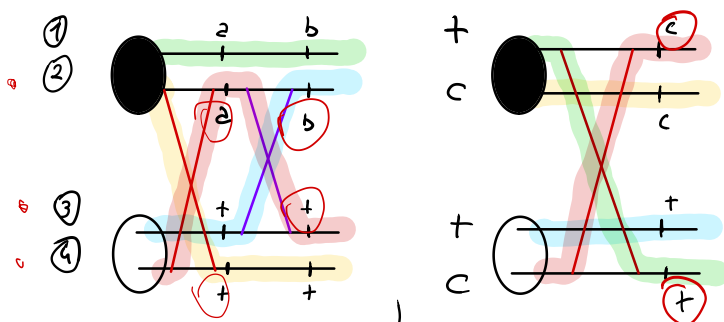
abc ⊗ + + +

TETRADE D:

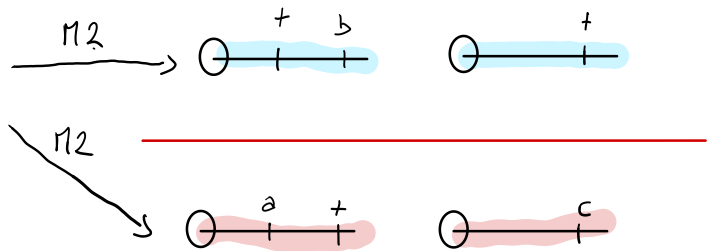
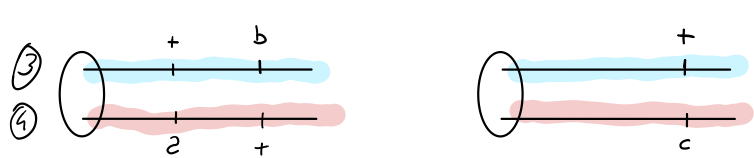
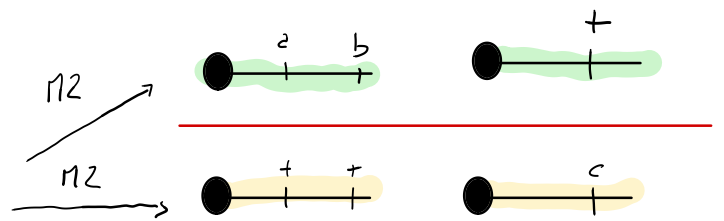
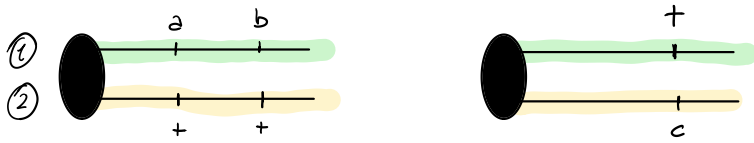
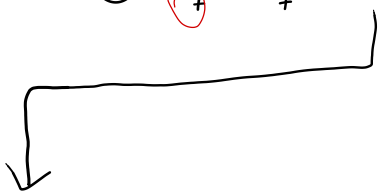
| | | |
|---|---|---|
| a | b | + |
| + | + | c |
| + | b | + |
| a | + | c |

Quando questi geni combinarsi nella tetraide D:

a b
+ +
+ b
a +



M1



Esercizio 3.

L'analisi delle tetradi non ordinate del lievito *S. cerevisiae* ottenute dall'incrocio:

$+++ \times his\ arg\ ura$

ha prodotto i seguenti risultati:

| Classe tetrade | Spore | | | | Numero aschi |
|----------------|--------------------|--------------------|-----------|-----------|--------------|
| 1 | <i>his arg ura</i> | <i>his arg ura</i> | +++ | +++ | 73 |
| 2 | <i>his arg ura</i> | <i>his + ura</i> | + arg + | +++ | 30 |
| 3 | <i>his ++</i> | <i>his ++</i> | + arg ura | + arg ura | 58 |
| 4 | <i>his arg +</i> | <i>his ++</i> | + arg ura | ++ ura | 34 |
| 5 | <i>his arg +</i> | <i>his arg +</i> | ++ ura | ++ ura | 5 |

1. Quali di questi 3 geni sono associati e qual è la distanza di mappa tra essi?
2. Schematizzare l'origine delle spore della tetrade N. 4

SVOLGIMENTO

1. Quali di questi 3 geni sono associati e qual è la distanza di mappa tra essi?

Classifichiamo le tetradi, considerando i geni o coppie, in DP, NDP e T

| | DP | NDP | T |
|------------------|-------------------------|-------------------------------|------------------------|
| <i>his - arg</i> | ①, ⑤ $73 + 5 = 78$ | ② 58 | ③, ④ $30 + 34 = 64$ |
| <i>his - ura</i> | ①, ② $73 + 30 = 103$ | ③, ④, ⑤ $58 + 34 + 5 = 97$ | ∅ |
| <i>arg - ura</i> | ①, ③ $73 + 58 = 131$ | ⑤ 5 | ②, ④ $30 + 34 = 64$ |

Confrontiamo i geni per vedere se sono associati tra loro oppure no:

$HIS - ARG \rightarrow DP \approx NDP$ non sono associati

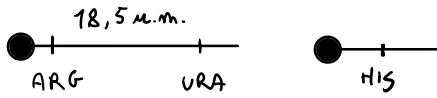
$HIS - URA \rightarrow DP \approx NDP$ non sono associati

$ARG - URA \rightarrow DP \gg NDP$ sono associati

Possiamo determinare la distanza solo tra i geni associati:

$$d_{ARG-URA} = \frac{NDP + \frac{1}{2}T}{TOT} \cdot 100 = \frac{5 + \frac{1}{2}64}{200} \cdot 100 = 16,5 \text{ u.m.}$$

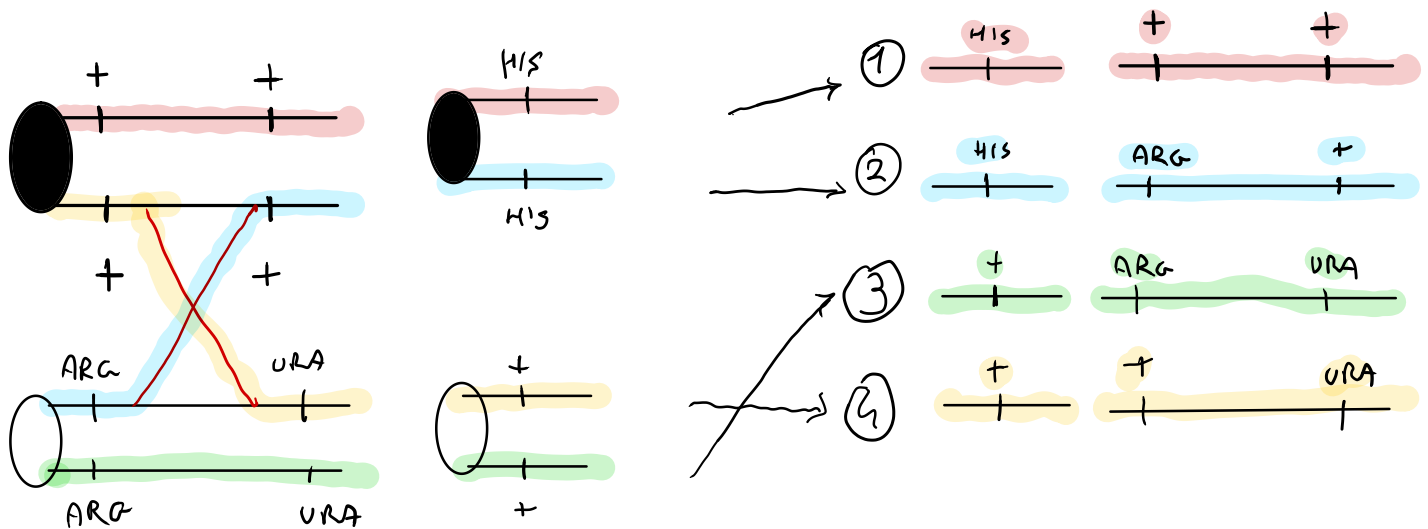
Poiché la tetrede non è ordinata non si possono trovare le distanze rispetto al centromero.



2. Schematizzare l'origine delle spore della tetrede N. 4

+++ ⊗ HIS ARG URA
 ↓
 TETRADE 4:

- 1 HIS + +
- 2 HIS ARG + •
- 3 + ARG URA
- 4 + + URA •



| | | | | | |
|---|-----------|--------|-----------|--------|----|
| | ② | ① | ③ | ④ | |
| 4 | his arg + | his ++ | + arg ura | ++ ura | 34 |